

M/S : médecine sciences

Au coeur de l'Y humain

Simone Gilgenkrantz

Volume 20, Number 1, janvier 2004

URI: id.erudit.org/iderudit/007515ar

[See table of contents](#)

Publisher(s)

SRMS: Société de la revue médecine/sciences et Éditions EDK

ISSN 0767-0974 (print)
1958-5381 (digital)

[Explore this journal](#)

Cite this article

Gilgenkrantz, S. (2004). Au coeur de l'Y humain. *M/S : médecine sciences*, 20(1), 17–18.

Tous droits réservés © M/S : médecine sciences, 2004

This document is protected by copyright law. Use of the services of Érudit (including reproduction) is subject to its terms and conditions, which can be viewed online. [<https://apropos.erudit.org/en/users/policy-on-use/>]

érudit

This article is disseminated and preserved by Érudit.

Érudit is a non-profit inter-university consortium of the Université de Montréal, Université Laval, and the Université du Québec à Montréal. Its mission is to promote and disseminate research. www.erudit.org

lement ou exclusivement testiculaire. Il est intéressant de voir comment ils sont répartis dans l'euchromatine.

Séquences de l'euchromatine MSY

Il en existe trois catégories.

- Les séquences transposées de l'X, identiques à 99 % à celles de la région Xq21. Elles constituent environ 10 à 15 % de MSY et proviennent d'une transposition massive d'un segment X survenue il y a environ 3 à 4 millions d'années, après la divergence entre les lignages de l'homme et du chimpanzé. Par la suite, une inversion dans le bras court a divisé en deux cette région continue. Deux gènes seulement se trouvent dans les séquences transposées de l'X, où aucun échange ne se produit, contrairement à la région pseudo-autosomique.

- Les segments dégénérés de l'X (environ 20 % de MSY), ont une origine commune beaucoup plus ancienne. Ils sont ponctués de gènes (14) ou de pseudogènes (13), homologues à 27 gènes liés à l'X, et leur identité de séquence varie entre 60 et 96 %. Les gènes ont tous une expression ubiquitaire, à l'exception de *SRY*, gène de la détermination sexuelle, dont l'expression testiculaire est prédominante, et qui représente une séquence X dégénérée.

- Le troisième groupe (qui fut le plus dif-

ficile à identifier) est constitué de séquences répétées, d'amplicons qui forment 8 palindromes dispersés dans la région MSY et correspondant à 30 % de celle-ci. Certains seraient antérieurs à la séparation entre les lignages de l'homme et du chimpanzé. Ils forment de longues séquences palindromiques (de 9 kb à 1,45 Mb), et il y a 99% d'identité entre les bras de chaque palindrome. Il est important de souligner que six d'entre eux contiennent des gènes dont l'expression est spécifiquement testiculaire.

Stratégies évolutives de survie de l'Y

La connaissance de cette structure MSY suscite de nombreuses réflexions.

Tout d'abord, la méthodologie utilisée pour organiser les séquences palindromiques pourra servir de guide dans l'analyse d'autres séquences répétées du génome. Car la découverte de gènes spécifiques du testicule enchâssés dans les palindromes démontre l'importance de l'analyse de régions analogues dans les autosomes.

Puisque cette structure MSY, qui mérite bien son nom, a sélectionné de tels gènes, on peut se demander s'ils n'ont pas protégé et développé la fertilité masculine.

Pour la survie de l'Y, ne peut-on imaginer un mécanisme alternatif à l'absence

d'échanges X-Y? Dans les structures palindromiques, des recombinaisons entre les bras peuvent se produire. Elles auraient pu faire évoluer les deux bras de concert, assurant ainsi la conservation de la séquence et la fonction des gènes et empêchant l'accumulation de mutations inactivantes.

Pour vérifier cette hypothèse, le groupe de D. Page a séquencé un gène enchâssé dans un palindrome dans des chromosomes Y correspondant aux différentes branches de l'arbre phylogénétique de l'Y déjà établi à partir d'hommes des différentes régions du monde [3]. L'étude comparative montre qu'une conversion génique est effectivement survenue à plusieurs reprises: la copie du gène sur un bras a changé la séquence de la copie du gène de l'autre bras. Les auteurs en déduisent qu'au cours de l'évolution récente, chez chaque garçon nouveau-né, une conversion Y-Y se produit pour environ 600 nucléotides.

D'une façon plus générale, comme le conclut H.F. Willard [4], ce travail démontre que le moindre brin d'ADN, même le plus insignifiant, mérite qu'on lui porte intérêt et que les débris jusqu'alors négligés de nos chromosomes ont encore bien des choses à révéler sur notre histoire. ♦

Inside the human Y chromosome

RÉFÉRENCES

1. Slatetsky H, Kuroda-Kawaguchi T, Minx PJ, *et al.* The male specific region of the human Y chromosome is a mosaic of discrete sequence classes. *Nature* 2003; 423: 825-37.
2. Tilford CA, Kuroda-Kawaguchi T, Slatetsky H, *et al.* A physical map of the human Y chromosome. *Nature* 2001; 409: 943-5.
3. Rozen S, Slatetsky H, Marszalek JD, *et al.* Abundant gene conversion between arms of palindromes in human and ape Y chromosomes. *Nature* 2003; 423: 773-6.
4. Willard HF. Tales of the Y chromosome. *Nature* 2003; 423: 810-3.